

Figure 1C

ClustalW DNA Sequence Alignment of *rasp-B* Amplicons  
from 38 *Bacillus anthracis* Strains

	181	195 196	210 211	225 226	240
1 Bapst	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
2 Barec1	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
3 NMRI#67	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
4 NMRI#63	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
5 NMRI#62	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
6 NMRI#60	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
7 NMRI#1	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
8 NMRI#2	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
9 NMRI#4	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
10 NMRI#5	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
11 NMRI#6	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
12 NMRI#10	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
13 NMRI#11	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
14 NMRI#18	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
15 NMRI#19	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
16 NMRI#20	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
17 NMRI#22	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
18 NMRI#23	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
19 NMRI#24	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
20 NMRI#25	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
21 NMRI#26	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
22 NMRI#28	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
23 NMRI#32	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
24 NMRI#35	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
25 NMRI#36	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
26 NMRI#38	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
27 NMRI#39	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
28 NMRI#40	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
29 NMRI#41	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
30 NMRI#42	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
31 NMRI#43	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
32 NMRI#50	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
33 NMRI#52	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
34 NMRI#53	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
35 NMRI#54	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
36 NMRI#55	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
37 NMRI#56	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)
38 NMRI#59	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGCAAAACAA	(SEQ ID NO:11)

**Figure 2A**

Drawing ClustalW Global *sasp-B* DNA Sequence Alignment of *Bacillus anthracis*,  
*Bacillus thuringiensis* and *Bacillus cereus* Strains

	1	15	30	45	60	75	90
1 NMRI#15	AACAAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCCAAGCAGTAAAA	
2 1B	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCCAAGCAGTAAAA	
3 003	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCCAAGCAGTAAAA	
4 III	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCCAAGCAGTAAAA	
5 IV	AACAAGGCAACTTCT	GGCGCTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTGCCAAGCAGTAAAA	
6 BtB	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
7 BtY	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
8 4A1	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
9 BtV	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
10 BtZ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
11 BtC3	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
12 1B/A	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
13 Bcepub	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
14 BtT	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
15 BtU	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
16 BtS	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
17 BtR	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
18 BtL	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
19 BtO	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
20 BtJ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
21 4I2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
22 BtG	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
23 BtI	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
24 Bce2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
25 BtC	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
26 BtE2	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
27 BtE4	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
28 BtK	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
29 BtM	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
30 BtN	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
31 BtP	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
32 BtX	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
33 Bce1	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
34 BtQ	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
35 BtW	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
36 NMRI#57	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	
37 NMRI#11	AACAAGGCAACTTCT	GGTGTAGCATTCAA	AGTACAATGCTAGT	TATGGTACAGAGTTT	TCAACTGAAAACAGAT	GTCCAAGCAGTAAAA	

**Figure 2C**

Drawing Cluster IV Global *sasp-B* DNA Sequence Alignment of *Bacillus anthracis*,  
*Bacillus thuringiensis* and *Bacillus cereus* Strains

	181	195 196	210 211	225 226	240
1 NMRI#15	ACTGAAACAGATGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:12)
2 1B	ACTGAAACAGATGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:12)
3 003	ACTGAAACAGATGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:12)
4 III	ACTGAAACAGATGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:12)
5 IV	ACTGAAACAGATGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:12)
6 BtB	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:13)
7 BtY	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:14)
8 4A1	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:15)
9 BtV	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:15)
10 BtZ	ACTGAAACAGACGTG	CATGCTGTGAAAAA	CAAAATGCACAATCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:15)
11 Btcer3	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
12 1B/A	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
13 Bcerpub	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
14 BtI	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
15 BtU	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
16 BtS	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
17 BtR	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
18 BtL	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
19 BtO	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
20 BtJ	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
21 4J2	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
22 BtG	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
23 BtI	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:10)
24 Bcer2	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:17)
25 BtC	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
26 BtE2	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
27 BtE4	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
28 BtK	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
29 BtM	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
30 BtN	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:18)
31 BtP	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:19)
32 BtX	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:19)
33 Bcer1	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:19)
34 BtQ	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:20)
35 BtW	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:20)
36 NMRI#57	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:21)
37 NMRI#11	ACTGAAACAGACGTG	CATTCGTGTGAAAAA	CAAAATGCTAAGTCA	GCTGC AAAACAA	(SEQ ID NO:11)

*Bacillus globigii* specific PCR targeting Bg sasP-gamma

Alignment of *B. subtilis* sasP-gamma sequence (from GeneBank) with *B. globigii* sequence (upper strand) showing the location of the primer sequences and how their sequence compares to the (known) *B. subtilis* sequence:

	1	15	16	30	31	45	46	60	61	75
BSSSPE_edited_	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	ATTCTA
Bs_pub_SSPE	TTGACGCGGACGCTC	ACTGCTCGTTTAAA	ATTTTAAAAAAGAG	GAATAGCTATACGAT	CACCTGCACATTCTA					
			Forward primer (BgSaspGam 5')							
	76	90	91	105	106	120	121	135	136	150
BSSSPE_edited_	ATTGTCGTGAGGTG	ATAAACATGGCTAAC	TCAAACAAC-----	AAAACAACGCTCAA	CAAGTAAGAAAAACAA					
Bs_pub_SSPE	ATGACCGTGAGGTG	ATAACAATGGCTAAC	TCAAATACTTCAGC	AAAACAACGCTCAA	CAAGTTAGAAAAACAA					
						Reverse primer				
BSSSPE_edited_	151	165	166	180	181	195	196	210	211	225
Bs_pub_SSPE	AACCAACAATCAGCA	TCTGGCCAAGTCA	TTTGGTACAGAATT	GCTAGCGAAACAAC	GTACAACAAGTAAGA					
		(BgSaspGam 3')								
	226	240	241	255	256	270	271	285	286	300
BSSSPE_edited_	AAACAAAACCAACAA	TCAGCTGCTGGACAA	GGACAAATCGGCAC	GAATTTCGCTAGTGAA	ACTGATGCTCAGCAA					
Bs_pub_SSPE	AAACAAAACCAACAA	TCAGCTGGACAACAA	GGTCAATTCCGCAC	GAATTTCGCTAGTGAA	ACTGACGCACAGCAG					
	301	315	316	330	331	345	346	360	361	375
BSSSPE_edited_	GTAAGACAGCAAAAC	CAATCTGCTGAACAA	AACAAACAACAACAA	AGCTAATCACTGAAA	CAGAAAAAAGCAGCT					
Bs_pub_SSPE	GTAAGACAGCAAAAC	CAATCTGCTGAACAA	AACAAACAACAACAA	AGCTAATCACTGAAA	CAGAAAAAAGCAGCT					
	376	390	391	405	406	420	421	435	436	450
BSSSPE_edited_	TCATCCTCGGTGGA	AGTGCTTTTCTCTT	TTATAAAGCACAAC	ACTTGCGGAA						
Bs_pub_SSPE	TCATCTTCGG-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	384
BSSSPE_edited_	(SEQ ID NO:22)									
Bs_pub_SSPE	(SEQ ID NO:23)									

**FIG. 3.**